

ARTÍCULO ORIGINAL

Aspectos ecoepidemiológicos, detección natural e identificación molecular de *Leishmania* spp. en *Lutzomyia reburra*, *Lutzomyia barrettoii majuscula* y *Lutzomyia trapidoi*

Jazzmín Arrivillaga-Henríquez^{1,2,3}, Sandra Enríquez¹, Vanessa Romero^{1,4}, Gustavo Echeverría¹, Jorge Pérez-Barrera¹, Ana Poveda^{1,5}, Juan-Carlos Navarro⁶, Alon Warburg^{2,7}, Washington Benítez^{1,8}

- ¹ Instituto de Investigación en Salud Pública y Zoonosis, Universidad Central del Ecuador, Quito, Ecuador
- ² Programa Prometeo, Secretaría Nacional de Educación Superior, Ciencia, Tecnología e Innovación (SENESCYT), Quito, Ecuador
- ³ Área de Ambiente, Turismo Histórico Cultural, Facultad de Comunicación Social, Universidad Central del Ecuador, Quito, Ecuador
- ⁴ Facultad de Ciencias Biológicas, Carrera de Ciencias Biológicas y Ambientales, Universidad Central del Ecuador, Quito, Ecuador
- ⁵ Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Central del Ecuador, Quito, Ecuador
- ⁶ Laboratorio de Biodiversidad y Salud Ambiental, Facultad de Ciencias Naturales y Ambientales, Universidad Internacional SEK, Quito, Ecuador
- ⁷ Faculty of Medicine, Department of Microbiology and Molecular Genetics; Institute of Medical Research Israel-Canada; Kuvim Center for the Study of Infectious and Tropical Diseases, Hebrew University of Jerusalem, Jerusalem, Israel
- ⁸ Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Central del Ecuador, Quito, Ecuador

Introducción. La provincia de Pichincha, Ecuador, es un área endémica de leishmaniasis cutánea, en donde se han determinado como vectores los flebotomíneos antropofílicos con infección natural por *Leishmania* spp. Sin embargo, no se ha evaluado el papel en la transmisión de las especies zoofílicas.

Objetivo. Evaluar la infección natural por *Leishmania* en dos especies de flebotomíneos zoofílicos, *Lutzomyia reburra* y *Lu. barrettoii majuscula*, y en una antropofílica, *Lu. trapidoi*, así como la endofagia y la sinantropía de estas especies en el noroccidente de Pichincha.

Materiales y métodos. Los flebotomíneos se recolectaron en trampas de luz CDC colocadas en diferentes hábitats y altitudes en sitios que son focos de leishmaniasis cutánea. La infección con *Leishmania* spp. se detectó en el ADN genómico de hembras de las especies de flebotomíneos de interés. Se amplificó el gen espaciador interno de la transcripción del ARN ribosómico, unidad I (*ITS1*), y los genes de las topoisomerasas mitocondrial II (*mtTOPOII*) y nuclear II (*TopoII*). Se determinaron los porcentajes de positividad para *Leishmania* a escala espaciotemporal, la proporción de endofagia y el índice de sinantropía.

Resultados. Se determinó la presencia de infección natural por *Le. amazonensis* en *Lu. reburra* (9,5 %) y *Lu. b. majuscula* (23,8 %); en *Lu. trapidoi* se detectaron *Le. amazonensis*, *Le. braziliensis* y *Le. naiffi-lainsoni*. Los flebotomíneos eran asinatópicos y con baja endofagia.

Conclusión. Se registró por primera vez la presencia de infección natural en *Lu. reburra* y *Lu. barrettoii majuscula* por *Le. amazonensis*, y se demostró la importancia de los flebotomíneos zoofílicos en el mantenimiento del ciclo de transmisión de *Leishmania* spp. en focos endémicos.

Palabras clave: Psychodidae; *Leishmania*; leishmaniasis cutánea; reacción en cadena de la polimerasa; Ecuador.

doi: <https://doi.org/10.7705/biomedica.v34i2.3536>

Contribución de los autores:

Jazzmín Arrivillaga-Henríquez: diseño de la investigación, trabajo de campo, identificación de los flebotomíneos, identificación, análisis e interpretación de la secuencias de *Leishmania*, análisis e interpretación de variables ecoepidemiológicas, y escritura del manuscrito
Sandra Enríquez: coordinación logística, análisis de la base de datos ecológicos, trabajo de campo y revisión crítica del documento
Vanessa Romero y Gustavo Echeverría: extracción de ADN, estandarización del protocolo de extracción, amplificación por reacción en cadena de la polimerasa del gen ITS1 de *Leishmania*

Jorge Pérez-Barrera: amplificación de genes de la topoisomerasa

Ana Poveda: diseños de oligonucleótidos, amplificación, secuenciación y caracterización de las secuencias de las topoisomerasas y escritura del manuscrito

Juan Carlos Navarro: análisis filogenéticos y escritura del manuscrito

Alon Warburg: trabajo de campo y secuenciación de los amplicones de ITS1 de *Leishmania*

Washington Benítez: coordinación del proyecto y escritura del manuscrito